

Title	Molecular Cloning and Nucleotide Sequences of cDNAs Enco-ding Core 1, Core 2 and subunit 9 of Euglena gracilis Complex III
Author(s)	崔, 金燕
Citation	
Issue Date	
oaire:version	
URL	https://hdl.handle.net/11094/38020
rights	
Note	著者からインターネット公開の許諾が得られていないため、論文の要旨のみを公開しています。全文のご利用をご希望の場合は、 https://www.library.osaka-u.ac.jp/thesis/#closed 大阪大学の博士論文について /a>をご参照ください。

Osaka University Knowledge Archive : OUKA

<https://ir.library.osaka-u.ac.jp/>

Osaka University

氏名	崔 金 燕
博士の専攻	博士（理学）
分野の名称	
学位記番号	第 10126 号
学位授与年月日	平成 4 年 3 月 25 日
学位授与の要件	学位規則第 4 条第 1 項該当 理学研究科 生物化学専攻
学位論文名	Molecular Cloning and Nucleotide Sequences of cDNAs Encoding Core 1, Core 2 and Subunit 9 of <i>Euglena gracilis</i> Complex III (<i>Euglena gracilis</i> Complex III のコア 1, コア 2, サブユニット 9 の cDNA クローニングおよび塩基配列の決定)
論文審査委員	(主査) 教授 松原 央 (副査) 教授 二井 将光 教授 田川 邦夫

論文内容の要旨

真核細胞のミトコンドリアの中に電子伝達をする複合体 I-V が存在し、エネルギー産生の役割をしている。その中、複合体 III はユビキノールからチトクローム c に電子伝達をする複合体であり、そのサブユニット構造については酵母や牛でよく研究されてきました。一方 *Euglena* は動植物両方の特徴を持ち、進化的にも特異な存在です。*Euglena* の複合体 III は他のものとそのサブユニット構成は類似しているにも拘らず、チトクローム c₁ の構造には特異的なヘム結合様式のあることが判明している。そこで他のサブユニット、特に複合体 III の構造形成に不可欠とされるコア蛋白質に焦点を絞り、その全アミノ酸配列を明らかにする為に cDNA のクローニングを行いました。*Euglena* 複合体 III に対する抗血清を用いて cDNA ライブラリーのスクリーニングを行ない、コア 1、コア 2 およびサブユニット 9 に対応するポジティブなクローンを得て、塩基配列を決定した。その結果、コア 1、コア 2 蛋白質はそれぞれ 494、474 個のアミノ酸からなる前駆体として同定された。しかし、蛋白質アミノ末端解析ではコア 1 はブロックされていて同定できなかったため、全アミノ酸配列は判明したが、成熟蛋白質の大きさは確定できなかった。一方コア 2 蛋白質はアミノ末端解析の結果から、432 個のアミノ酸から成る成熟蛋白質にプロセスされると推定された。サブユニット 9 前駆体は 100 個のアミノ酸から成り、70 個のアミノ酸から成る成熟蛋白質にプロセスされることが分かった。今回決定した三つの前駆体蛋白質ともミトコンドリアに輸送するシグナルを持っておりプロセッシングを受けることが分かった。両コア蛋白質はプロセッシングエンハンシングプロテイン (PEP)、ミトコンドリアプロセッシングペプチダーゼ (MPP) および他のコア蛋白質らと相同性を持ち、PEP-MPP-コア蛋白質ファミリーのメンバーだと判定した。特に *Euglena* コア 1 蛋白質は PEP と全領域にわたって高い相同性を (36%) 示した。*Euglena* では

PEPがまだ報告されていないが、赤パンカビで見られるようにコア1がPEPの機能をも持っているかどうか、興味深い所です。サブユニット9は他の生物の複合体Ⅲサブユニットとアミノ酸配列上相同性はないが、膜を貫通する疎水性領域があり牛の9.5 kDa蛋白質と同じく、両コア蛋白質をミトコンドリア内膜に固定する役割を果たしていると考えられる。

論文審査の結果の要旨

ユーグレナ（ミドリムシ）は進化的に特異な位置を占める生物として知られ、生理、生化学的にも特徴ある性質を示している。崔さんはユーグレナのミトコンドリア呼吸鎖電子伝達体の複合体Ⅲの各サブユニットに特異な性質があることを期待して大きいサブユニット1と2、およびサブユニット9（9 kDa）の構造をcDNAクローニングとその塩基配列の決定により推測することに成功した。サブユニット1と2は他の生物のものと近縁ではあるが、それらを比較することでこのファミリー全体の進化的特徴を示した。また9 kDaサブユニットはユーグレナのみに見出された特異なものであるが、ウシのものとの比較から機能を推論した。以上崔さんの論文は博士（理学）の学位論文として十分価値あるものと認める。